




## Determination of structure of a branched molecule involves analysis of the most probable structure on the basis of mass data for fragments of the molecule

**Patent number:** FR2844357  
**Publication date:** 2004-03-12  
**Inventor:** VAN HOECKE MARIE PIERRE  
**Applicant:** CENTRE NAT RECH SCIENT (FR); UNIV LILLE SCIENCES TECH (FR)  
**Classification:**  
- international: G01N33/00; G06F19/00  
- european: G06F19/00C2  
**Application number:** FR20020011195 20020910  
**Priority number(s):** FR20020011195 20020910

**Also published as:**

 WO2004024654 (A3)  
 WO2004024654 (A2)  
 AU2003278288 (A1)

[Report a data error here](#)

### Abstract of **FR2844357**

Automatic determination of the most probable structure of a branched molecule, where linear structures are included in the set of branch structures, is performed on the basis of mass data obtained for fragments of the molecule. Determination of a branched molecular structure from data on the masses of fragments of the molecule involves: (a) recording in a memory a list of the basic elements that may constitute the branched molecule; (b) storing in the memory the solutions to an equation that includes the basic elements, their mass, their number and one of the given masses, and doing the same for all the masses; (c) building up sequences of basic elements from the solutions, each sequence including a solution for a 'minimum' mass and the complete sequence being a solution for a 'maximum' mass; (d) grouping the sequences by composition; (e) storing the possible 'trees' for a composition of basic elements as a function of the sequences of the composition determined in stage (c); (f) for each 'tree' from stage (e), calculating the assembly of possible fragments of the 'tree'; and (g) for each fragment from stage (d), testing to find out whether the fragment corresponds to one of the given masses. An Independent claim is given for utilization of the above process for the determination of a branched molecular structure, where the structure is an oligosaccharide, the data on the masses are obtained by mass spectrometry, and the basic elements are monosaccharides or substituent groups.

---

Data supplied from the **esp@cenet** database - Worldwide

①⑨ RÉPUBLIQUE FRANÇAISE  
INSTITUT NATIONAL  
DE LA PROPRIÉTÉ INDUSTRIELLE  
PARIS

①⑪ N° de publication :  
(à n'utiliser que pour les  
commandes de reproduction)

**2 844 357**

②① N° d'enregistrement national : **02 11195**

⑤① Int Cl<sup>7</sup> : G 01 N 33/00, G 06 F 19/00

①⑫

**DEMANDE DE BREVET D'INVENTION**

**A1**

②② Date de dépôt : 10.09.02.

③⑦ Priorité :

④③ Date de mise à la disposition du public de la  
demande : 12.03.04 Bulletin 04/11.

⑤⑥ Liste des documents cités dans le rapport de  
recherche préliminaire : *Se reporter à la fin du  
présent fascicule*

⑥⑦ Références à d'autres documents nationaux  
apparentés :

⑦① Demandeur(s) : *CENTRE NATIONAL DE LA  
RECHERCHE SCIENTIFIQUE CNRS Etablissement  
public à caractère scientifique et technologique — FR et  
UNIVERSITE DES SCIENCES ET TECHNOLOGIES  
DE LILLE — FR.*

⑦② Inventeur(s) : VAN HOECKE MARIE PIERRE.

⑦③ Titulaire(s) :

⑦④ Mandataire(s) : BREESE MAJEROWICZ SIMONNOT.

⑤④ **PROCEDE DE DETERMINATION DE MOLECULES BRANCHEES A PARTIR DE DONNEES DE MASSE.**

⑤⑦ Procédé de détermination d'une structure moléculaire  
branchée à partir de données de masses de fragments de  
ladite molécule, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes  
suivantes:

a) une étape d'enregistrement dans une mémoire de la  
liste des éléments de base pouvant constituer ladite molé-  
cule branchée;

b) une étape de stockage en mémoire des solutions à  
une équation mettant en jeu les éléments de base, leur  
masse, leur nombre et une des masses données, ceci pour  
toutes les masses;

c) une étape de constitution de séquences d'éléments  
de base à partir desdites solutions, chaque séquence in-  
cluant une solution pour une masse dite minimale et la sé-  
quence complète étant solution pour une masse dite  
maximale; d) une étape de regroupement des séquences  
par composition;

e) une étape de stockage des arbres possibles pour une  
composition d'éléments de base en fonction des séquences  
de cette composition déterminées à l'étape c);

f) pour chaque arbre de l'étape e), une étape de calcul  
de l'ensemble des fragments possibles de l'arbre;

g) pour chaque fragment de l'étape f), une étape de test  
permettant de savoir si le fragment correspond à une des

masses données.

FR 2 844 357 - A1



2844357

1

PROCÉDÉ DE DÉTERMINATION DE MOLÉCULES BRANCHÉES À PARTIR DE  
DONNÉES DE MASSE

5                   La présente invention se rapporte au domaine de  
l'étude de molécules et de détermination de leur  
composition et de leur structure. En particulier, la  
présente invention se rapporte à la détermination  
automatique de structures moléculaires branchées en  
10 utilisant des données de masse. Une application de la  
présente invention est la détermination de la structure  
d'oligosaccharides à partir de données de masse fournies  
par un spectromètre de masse.

15                  Dans ce domaine, la technique habituellement  
utilisée est une étude manuelle des données fournies par le  
spectromètre de masse confrontées à une expertise humaine.  
Cette étude est très coûteuse en temps.

20                  Des solutions ont donc été proposées pour  
réaliser de manière automatique l'étude des données de  
masse, mais les outils développés ne permettent pour le  
moment que de déterminer les structures linéaires.

25                  Le problème technique que la présente invention  
entend résoudre est la détermination d'une structure  
moléculaire branchée à partir d'un spectre de masse ou  
d'autres données de masse, ceci de manière entièrement  
automatique sans intervention de l'homme. Les résultats de  
la détermination étant destinés à des experts, ceux-ci  
pourront infirmer ou confirmer les résultats donnés  
automatiquement.

30                  La présente invention propose donc de déterminer  
automatiquement la structure branchée la plus probable pour  
une molécule, les structures linéaires étant incluses dans  
l'ensemble des structures branchées. Pour cela, la présente  
invention réalise un certain nombre d'opérations sur  
35 l'ensemble des masses fourni et délivre un résultat.

2844357

2

L'expertise humaine peut être requise pour orienter le processus ou valider la solution proposée par le procédé mais cette intervention n'est que ponctuelle et brève. Ainsi, le temps d'intervention de l'expert est limité aux  
5 seules questions nécessitant réellement une compétence scientifique.

Pour ce faire, la présente invention est du type décrit ci-dessus et elle est remarquable dans son  
10 acceptation la plus large, en ce qu'elle concerne un procédé de détermination d'une structure moléculaire branchée à partir de données de masses de fragments de ladite molécule, comprenant les étapes suivantes :

- 15 a) une étape d'enregistrement dans une mémoire de la liste des éléments de base pouvant constituer ladite molécule branchée ;
- b) une étape de stockage en mémoire des solutions à une équation mettant en jeu les éléments de base, leur masse, leur nombre et  
20 une des masses données, ceci pour toutes les masses ;
- c) une étape de constitution de séquences d'éléments de base à partir desdites solutions, chaque séquence incluant une  
25 solution pour une masse dite minimale et la séquence complète étant solution pour une masse dite maximale ;
- d) une étape de regroupement des séquences par composition ;
- 30 e) une étape de stockage des arbres possibles pour une composition d'éléments de base en fonction des séquences de cette composition déterminées à l'étape c) ;

2844357

3

f) pour chaque arbre de l'étape e), une étape de calcul de l'ensemble des fragments possibles de l'arbre ;

5 g) pour chaque fragment de l'étape f), une étape de test permettant de savoir si le fragment correspond à une des masses données ;

10 Avantageusement, l'étape b) est réalisée de manière incrémentale depuis la plus petite masse vers la plus grande masse, la solution pour une masse est cherchée en utilisant les solutions trouvées pour les masses inférieures et les données correspondant aux dites solutions sont stockées dans un tableau.

15 De préférence, l'étape c) consiste à définir le N-ème élément de base de la séquence en comparant la solution N pour la masse avec la solution N-1 à partir de laquelle la solution N a été trouvée et à écrire dans un fichier un identifiant dudit N-ème élément de base.

Selon un mode de réalisation préféré, l'étape e) consiste à :

- 20 - associer à chaque élément de base d'une séquence une donnée de type « nœud » comportant un identifiant de l'élément de base et au moins une référence à un autre nœud ;
- 25 - à la N-ème étape, pour chaque arbre de l'étape N-1, pour chaque nœud comportant une référence libre, créer un nœud contenant le composant N de la séquence et affecter ladite référence libre audit nœud créé.

30

Avantageusement, l'étape f) consiste à générer une liste de séquences d'éléments de base où chaque séquence inclut ladite solution pour une masse minimale, les éléments du fragment correspondant à ladite séquence

2844357

4

étant ordonnés par ajout de « nœud » en « nœud » à partir de ladite solution pour une masse minimale.

De préférence, l'étape g) est composée de deux étapes :

- 5                   - une étape de comparaison de la séquence correspondant audit fragment avec les séquences de ladite composition résultant un premier booléen VRAI ou FAUX ;
- 10                  - Si ledit premier booléen est FAUX, une étape de comparaison de la composition de ladite séquence avec les compositions des sous-séquences de même longueur incluant la solution minimale desdites séquences solutions pour une masse maximale résultant un deuxième booléen VRAI ou FAUX.

15                  Selon un autre mode de réalisation, le procédé comprend une étape supplémentaire de choix de l'arbre (des arbres) le(s) plus pertinent(s) en fonction des résultats de l'étape g) en associant à chacun des arbres générés à l'étape e) un compteur mis à zéro au début du procédé et

20                  incrémenté d'un si lesdits deux booléens sont FAUX et en choisissant l'arbre (ou les arbres) dont le(s) compteur(s) est (sont) le(s) plus faible(s).

25                  La présente invention se rapporte également à une utilisation du procédé de détermination d'une structure moléculaire branchée décrit dans les paragraphes précédents caractérisée en ce que la structure recherchée est un oligosaccharide, les données de masse sont obtenues par spectrométrie de masse et les éléments de base sont des monosaccharides ou des groupements substituants.

30                  On comprendra mieux la présente invention à l'aide de la description, faite ci-après à titre purement explicatif, d'un mode de réalisation de l'invention, en référence aux figures annexées :

- 35                   - La figure 1 représente un spectre arbitraire de masse simulant un spectre expérimental.



2844357

5

- La figure 2 illustre la première partie du déroulement d'un mode de réalisation de l'invention.
- La figure 3 illustre la deuxième partie du déroulement d'un mode de réalisation de l'invention.

Le procédé selon l'invention comporte 5 étapes précédées d'une étape préliminaire réalisée indépendamment du procédé :

L'étape préliminaire consiste à obtenir un ensemble de masses correspondant à des fragments de la molécule à déterminer. Cet ensemble de masses est appelé « spectre expérimental ».

La première étape consiste à enregistrer l'ensemble des molécules simples susceptibles de composer la molécule à déterminer.

La deuxième étape consiste à déterminer l'ensemble des chemins allant d'une structure racine à une structure finale où la structure racine correspond à une valeur dite « minimale » de l'ensemble des masses et la structure finale correspond à une valeur dite « maximale » de l'ensemble des masses. L'ensemble de ces chemins passe par des structures intermédiaires, c'est-à-dire incluant la structure racine et incluses dans la structure finale, et correspondant à des valeurs de masses comprises entre la valeur minimale et la valeur maximale.

La troisième étape consiste à générer des séquences de molécules simples obtenues à partir desdits chemins et de regrouper les séquences ayant les mêmes nombres de chaque molécule simple en « composition ».

2844357

6

La quatrième étape consiste à déterminer pour chaque composition, l'ensemble des arbres possibles. De préférence, chaque arbre doit pouvoir être constitué à partir de n'importe quelle séquence de la décomposition.

La cinquième étape consiste à calculer pour chaque arbre le « spectre » théorique de l'arbre en déterminant de tous les fragments possibles de l'arbre contenant la racine et à comparer le spectre théorique avec le spectre expérimental.

Le résultat de la comparaison permet de déterminer quel est l'arbre le plus probable.

Le procédé selon l'invention peut être utilisé pour déterminer de manière automatique la composition d'oligosaccharides. Pour la détermination d'un oligosaccharide, il comporte plusieurs étapes :

Une étape préliminaire est destinée à obtenir un ensemble de masses (appelé « spectre ») obtenu par spectrométrie de masse de la molécule à déterminer. Les masses de cet ensemble comprennent les masses de fragments de la molécule, de produits de recomposition entre les composants de la molécule ou de fragments substitués.

Une première étape consiste à enregistrer dans une mémoire la liste des monosaccharides connus ainsi que leur masse.

Une deuxième étape consiste à parcourir l'ensemble des masses déterminées par spectrométrie. Pour une première masse, le procédé cherche à résoudre l'équation suivante, appelée équation Y :



2844357

7

masse totale mesurée =  
 (Somme des masses des composants - pertes de liaisons)  
 + (aglycone - perte liaison aglycone-root)\* + masse ION +  
 5 agent réducteur  
 (\*) ssi aglycone ≠ 0

Cette équation se traduit par =  

$$M \pm err = \sum (ai * mi) - \left[ \left( \sum (ai) - 1 \right) * H_2O \right] + (aglycone - H_2O)^* + ION + reduction$$
  
 (\*): ssi aglycone ≠ 0

10 où :

M = masse expérimentale mesurée dans le spectromètre de masse

err = erreur de mesure du spectromètre

mi = masse (monoisotopique) du composant i

15 ai = nombre de composants i apparaissant dans la solution  
 (ai est un entier)

H<sub>2</sub>O = masse d'une molécule d'EAU

aglycone = masse de l'aglycone en cas d'aminoréduction

ION = masse de l'ion

20 reduction = incrément de masse dû aux conditions de réduction

Selon le procédé, l'ensemble des masses déterminées est parcouru dans l'ordre des masses croissantes et pour chaque masse, on cherche un ou  
 25 plusieurs monosaccharides résolvant l'équation Y. La plus petite masse pour laquelle l'équation Y a une solution est appelée masse minimale et la solution à l'équation Y pour la masse minimale est appelée « racine ». La racine peut  
 30 être composée d'un ou de plusieurs monosaccharides. Cette racine est le premier élément d'un ensemble de chemins : l'ensemble des chemins est un tableau et chaque ligne du tableau constitue une étape d'un chemin.

2844357

8

Par la suite, on continue le parcours des masses par ordre croissant en essayant de résoudre l'équation Y avec des structures de monosaccharides incluant la racine. Chaque structure solution est ajoutée audit tableau. De  
5 manière étendue, chaque structure solution de l'équation Y pour une des masses mesurées inclut une structure préalablement enregistrée dans le tableau. Ainsi, un système d'héritage est mis en place à partir de la racine : chaque structure solution, exceptée la racine, a une  
10 « mère » parmi les autres structures solutions.

Dans ce tableau, chaque ligne correspond à une structure de monosaccharide et donne la quantité de chaque monosaccharide (supérieur ou égal à 0) dans la structure ainsi que le numéro de la ligne de la structure « mère » de  
15 la structure courante.

La recherche d'une solution de l'équation Y pour une masse dite courante consiste donc à ajouter au moins un monosaccharide à une structure solution de l'équation Y pour une masse inférieure à la masse courante. Pour cela,  
20 ledit tableau est parcouru et pour chaque ligne (i.e. chaque structure), une solution incluant la structure correspondante à ladite ligne est cherchée. Afin de réduire le temps de calcul, certaines lignes ne sont pas traitées : les structures solutions de l'équation Y pour une masse  
25 inférieure d'une certaine quantité à la masse courante ne sont pas incluses dans la recherche. Cette quantité est choisie arbitrairement par l'utilisateur. Dans un mode de réalisation du procédé, cette quantité était égale à deux fois la masse du monosaccharide le plus lourd (NeuGC).

30 Ainsi, soit une structure solution S1 de l'équation Y pour une masse de raies r1, s'il n'existe aucun monosaccharide ou assemblage de monosaccharides, qui, agrégé à ladite solution S1 est solution de l'équation Y pour toutes les masses expérimentales comprises entre r1 et  
35  $r2 = r1 + 2 * \text{Masse}(\text{NeuGC})$ , alors la solution S1 n'a pas de fils

2844357

9

et n'est plus prise en compte pour les recherches des solutions de l'équation Y pour des masses supérieures à r2.

Dans l'exemple de la figure 1, la première raie correspond à une masse de 300,4 Daltons.

5            r1 = 300,4 Da  
            M(NeuGC) = 327,1165 Da  
            2\*M(NeuGC) = 654,233 Da  
            r1 + 2\*M(NeuGC) = 954,633 Da

10           r2 = 500,30 Da < 954,633 Da  
            r3 = 665,50 Da < 954,633 Da  
            r4 = 811,56 Da < 954,633 Da  
            r5 = 827,80 Da < 954,633 Da  
            r6 = 973,86 Da > 954,633 Da

15

Ainsi pour les raies 2 à 5, on cherchera à combiner la solution pour la raie 1 avec une ou plusieurs molécules de base. En revanche, pour la raie 6, on ne cherchera pas à combiner la solution pour la raie 1 avec  
20           une ou plusieurs molécules de base.

La masse maximale pour laquelle Y a une solution est appelée « masse maximale ». Seuls les chemins aboutissant à une structure solution de l'équation Y pour  
25           la masse maximale sont considérés comme valables.

Une troisième étape intervient une fois l'ensemble des structures solutions déterminées : les structures solutions de l'équation Y pour la masse maximale sont traitées. En effet, seules ces structures sont  
30           susceptibles de correspondre à la molécule recherchée car elles couvrent tout le spectre de la raie minimale (racine) à la raie maximale pour laquelle elles sont solutions. L'étude de l'héritage des structures sélectionnées permet  
35           d'identifier la séquence des monosaccharides, c'est-à-dire

2844357

10

l'ordre dans lequel ils ont été ajoutés à la racine. On obtient ainsi un ensemble de séquences que l'on stocke dans une mémoire.

5 Certaines de ces séquences ont la même composition, c'est-à-dire la même quantité de chaque monosaccharide ou de chaque groupement substituant. Ces séquences de même composition sont regroupées en une seule « composition » de l'équation Y pour la masse maximale.

10 Pour chaque « composition », une quatrième étape consiste à déterminer les arbres possibles. Pour cela, l'utilisateur détermine pour une première séquence de ladite composition les arbres possibles :

- 15 - chaque élément de la séquence (un monosaccharide) est associé à un « nœud » qui comprend trois liens vers trois autres « nœuds » et un identifiant de l'élément. Ces liens sont appelés gauche, droite et milieu ;
- 20 - ainsi, le premier élément de la séquence (la racine) est associé à un premier nœud ;
- 25 - pour le deuxième élément de la séquence, on crée trois ensembles de nœuds : chaque ensemble contient deux nœuds dont le premier correspond à la racine et le second audit deuxième élément, les deux nœuds étant respectivement liés par le lien gauche, le lien droite et le lien milieu pour les premier, deuxième et troisième ensembles. Ces ensembles de nœuds sont appelés des « arbres » et l'ensemble (2) des arbres
- 30 contient les arbres comprenant le deuxième élément ;
- Ainsi de suite, pour le n-ième élément, l'ensemble (n) des arbres est composé d'arbres créés à partir des arbres de l'ensemble (n-1),
- 35 chaque nouvel arbre correspondant à un arbre de

2844357

11

l'ensemble (n-1) ajouté d'un nœud correspondant au n-ième élément sur un des liens libres.

- 5                   - Pour réduire le temps de calcul de l'ensemble des arbres final, on supprime au fur et à mesure les arbres redondants : par exemple, les trois arbres composés de deux molécules de fucose où la deuxième molécule est située respectivement sur les liens droite, gauche et milieu, sont équivalents. Ainsi, un certain nombre d'arbres
- 10                   sont éliminés.

Ensuite, les arbres restants sont comparés aux autres séquences de la même composition : un arbre est conservé si toutes les séquences de la même composition peuvent être réalisées avec cet arbre.

15                   Le choix de trois liaisons possibles à partir d'un nœud a été pris en référence à la valence 4 de l'atome de carbone sur lequel se fixe en général l'élément de base suivant.

20                   Pour une composition, il reste donc un ensemble d'arbres « compatibles » avec toutes les séquences de la composition.

25                   Afin de déterminer quel est l'arbre le plus probable de manière automatique, le procédé propose dans une cinquième étape de comparer le spectre théorique de chaque arbre restant avec le spectre expérimental mesuré par le spectromètre de masse. Pour cela, le procédé compte

30                   le nombre de raies du spectre théorique qui n'ont pas pu être utilisées par le procédé. Une raie du spectre théorique d'un arbre correspond à la masse d'un fragment de l'arbre. Le calcul du spectre théorique d'un arbre revient donc à calculer les masses des sous-arbres inclus dans

35                   l'arbre et contenant la racine. Le nombre de masses de

2844357

12

sous-arbres n'existant pas dans l'ensemble des masses expérimentales détermine la probabilité d'occurrence de l'arbre en question.

5 La méthode employée de préférence par le procédé permet de réduire le temps de calcul : pour un arbre, le calcul de la liste des fragments se fait de la manière suivante :

- 10 - un opérateur « multiplication d'une liste par un élément » est créé qui, à partir d'une liste d'éléments, crée une nouvelle liste où chaque élément est le résultat de la concaténation de l'élément nouveau avec un élément de la liste d'entrée.
- 15 - un opérateur « produit de deux listes » résulte du premier : c'est l'application de l'opérateur « multiplication d'une liste par un élément » sur tous les items de la liste 1 avec la liste 2.

20 Ainsi, la liste des fragments produite à un nœud quelconque est égale au produit des listes issues de ses fils, qui est ensuite multiplié par l'élément du nœud ; une masse nulle est ajoutée enfin en tête de liste ; l'introduction de la masse nulle implémente le fait que la  
25 branche peut-être absente ; cette masse nulle se propage dans le parcours récursif et permet d'avoir la liste complète en un seul parcours ; la liste produite par une feuille est donc une liste de deux éléments : [0, elt].

30 Une fois la liste des fragments de l'arbre obtenue, le procédé détermine le nombre de fragments théoriques trouvés ne correspondant à aucune des masses expérimentales fournies. Afin d'éviter de recalculer la masse théorique pour chaque fragment, le procédé propose de comparer les fragments théoriques déterminés avec les  
35 décompositions d'une « séquence ». En effet, la liste de



2844357

13

fragments construite est composée de fragments présentés sous forme de suite de monosaccharides. Pour un fragment, si ladite suite de monosaccharides est présente dans une des décompositions de la « séquence », alors il existe une

5 raie du spectre correspondant à cette suite de monosaccharides. Donc le fragment théorique correspondant est présent dans le spectre expérimental. De plus, il peut arriver que la suite de monosaccharides représentant un fragment ne soit pas ordonnée de façon à ce qu'elle soit

10 reconnue comme valable. Pour résoudre ce genre de cas, le procédé réalise une comparaison des compositions de la suite de monosaccharides, sans ordre, avec la partie de même taille des décompositions. Si les deux compositions sont identiques, le fragment correspond à une raie du

15 spectre expérimental.

Les fragments dont la composition ne se retrouve pas parmi les décompositions sont appelées des « raies manquantes » du spectre théorique de l'arbre. Le nombre de raies manquantes détermine la pertinence de l'arbre.

20 L'arbre ayant le moins de raies manquantes définit la structure la plus probable pour la molécule. Si plusieurs arbres ont le même nombre minimal de raies manquantes, il est nécessaire de recourir à une expertise humaine qui saura déterminer quel est l'arbre le plus probable.

25 En particulier, cette expertise s'appuie sur l'équilibre naturel des molécules. Une extension du procédé de l'invention peut prendre en compte cet équilibre pour déterminer l'arbre le plus probable, en comptant par exemple le nombre de monosaccharides sur chaque sous-arbre

30 d'un nœud comportant plusieurs sous-arbres ainsi que le type des monosaccharides.

Un exemple de réalisation de ce procédé est décrit ci-dessous en se référant aux dessins.

35

2844357

14

Le spectromètre de masse fournit les données représentées sur la figure 1, où chaque pic (ou raie) correspond à la masse d'un fragment de la molécule. On considère que l'oligosaccharide cherché est composé de

5 HexNAC (masse : 221,0899 Da), d'Hexose (masse : 180,0364 Da) et de Fucose (masse : 164,0684 Da). La résolution de l'équation Y donne le tableau suivant :

N° ligne	HexNAC	Hexose	Fucose	Ligne « mère »	N° raie
1	1	0	0	-	1
2	2	0	0	1	2
3	2	0	1	2	3
4	2	1	0	2	4
5	2	1	1	3	5
6	2	1	1	4	5

10 Il y a deux solutions pour la raie maximale : en remontant le chemin menant de la racine (raie 1) à la raie maximale, on obtient deux séquences :

HexNAC-HexNAC-Fucose-Hexose (séquence 1)

HexNAC-HexNAC-Hexose-Fucose (séquence 2)

15 Ces deux séquences ou décompositions ont la même composition, elles sont donc regroupées dans une seule solution.

On cherche maintenant les arbres possibles pour la séquence 2. La construction des arbres est illustrée

20 figure 2. Une première étape consiste à créer un arbre contenant un premier « HexNAC ». la deuxième étape consiste à ajouter un deuxième HexNAC audit premier HexNAC. Le deuxième HexNAC peut être accroché au premier par le lien « gauche », le lien « milieu » ou le lien « droit ». Dans

25 la pratique, comme ces trois arbres sont équivalents, un seul arbre est construit, avec le deuxième hexNAC accroché sur le lien « gauche ». D'une manière générale, un nouveau

2844357

15

monosaccharide sera toujours accroché sur le lien libre le plus à gauche du nœud précédent et un seul arbre sera construit quel que soit le nombre de liens libres du nœud. La troisième étape consiste à ajouter un Hexose à l'arbre construit à l'étape 2 : pour cela, il y a deux possibilités non équivalentes :

- accrocher l'Hexose au premier hexNAC ;
- accrocher l'Hexose au deuxième hexNAC ;

Ainsi deux arbres sont construits.

10 La quatrième étape consiste enfin à ajouter le Fucose aux arbres construits à l'étape 3. Les six possibilités (trois par arbre) sont détaillées sur la figure 2. Il est à noter que la molécule HexNAC qui se situait sur le lien gauche du premier HexNAC du premier arbre de l'étape 3 est maintenant  
15 située sur le lien milieu pour l'arbre N°5 de l'étape 4. En effet, sur un nœud, les sous-arbres sont triés de gauche à droite par ordre de poids décroissant. Comme l'association d'un Hexose et d'un Fucose est plus lourde qu'HexNAC, l'ordre est inversé par rapport aux autres arbres  
20 possibles, où ce cas ne se présente pas.

Une fois les arbres construits pour la séquence 2, le procédé selon l'invention vérifie que les arbres construits sont compatibles avec la séquence 1. Pour cela, le procédé teste s'il est possible de reconstruire les  
25 arbres de l'étape 4 avec la séquence 1. Deux arbres sont éliminés (les arbres N°5 et 6) car il est impossible de construire ces arbres sans placer l'Hexose avant le Fucose.

Sur les 4 arbres restants, le procédé selon l'invention cherche à déterminer le spectre théorique afin  
30 de le comparer avec le spectre expérimental. Les fragments sont déterminés selon la méthode décrite ci-dessus utilisant les opérateurs « multiplication d'une liste par un élément » et « produit de deux listes ». Chaque fragment déterminé est décrit sous forme d'une séquence stockée dans  
35 une mémoire. Cette méthode est illustrée figure 3.

2844357

16

Par exemple, pour le premier arbre, le procédé crée trois listes, chaque liste correspondant à un des « fils » du nœud racine :

- 5                   - (HexNAC,  $\emptyset$ ) ;  
                  - (Hexose,  $\emptyset$ ) ;  
                  - (Fucose,  $\emptyset$ ) .

On applique l'opérateur « produit de deux listes » aux deux premières listes , ce qui donne :

- 10                   (HexNAC-Hexose, HexNAC, Hexose,  $\emptyset$ )  
                  que l'on multiplie par la troisième liste,  
                  soit :

(HexNAC-Hexose-Fucose, HexNAC-Hexose, HexNAC-Fucose, HexNAC, Hexose-Fucose, Hexose, Fucose,  $\emptyset$ )

15

On applique l'opérateur « multiplication d'une liste par un élément » à la liste précédente avec l'élément « HexNAC », ce qui donne :

- 20                   (HexNAC-HexNAC-Hexose-Fucose, HexNAC-HexNAC-Hexose, HexNAC-HexNAC-Fucose, HexNAC-HexNAC, HexNAC-Hexose-Fucose, HexNAC-Hexose, HexNAC-Fucose, HexNAC)

25                   Cette liste est la liste des fragments pour le premier arbre. Chaque élément de cette liste correspond à une raie du spectre théorique de l'arbre concerné. Pour vérifier que les raies théoriques existent dans le spectre expérimental, il suffit de vérifier que le fragment correspondant est inclus dans une des « séquences » de la « décomposition ». Ces séquences étaient :

- 30                   HexNAC-HexNAC-Fucose-Hexose (séquence 1)  
                  HexNAC-HexNAC-Hexose-Fucose (séquence 2)

Ainsi, en numérotant les fragments de la liste de 1 à 8, on constate que les fragments 1, 2, 3, 4 et 8 sont inclus dans une des séquences, alors que les fragments 5, 6 et 7 ne le sont pas. La deuxième vérification consiste à regarder la composition des fragments non-valables avec

35

2844357

17

la composition des fragments de même longueur, contenant la racine des « séquences ». Dans ce cas, les trois fragments, sont également rejetés. Ainsi, le nombre de raies manquantes de cet arbre est de 3. Les mêmes étapes sont

5 réalisées pour les autres arbres. L'arbre qui a le plus petit nombre de raies manquantes est la plus probable, en l'occurrence ici, le quatrième.

10 L'invention est décrite dans ce qui précède à titre d'exemple. Il est entendu que l'homme du métier est à même de réaliser différentes variantes de l'invention sans pour autant sortir du cadre du brevet.

2844357

18

REVENDICATIONS

1. Procédé de détermination d'une structure  
5 moléculaire branchée à partir de données de masses de  
fragments de ladite molécule, caractérisé en ce qu'il  
comprend les étapes suivantes :
- 10 a) une étape d'enregistrement dans une mémoire  
de la liste des éléments de base pouvant  
constituer ladite molécule branchée ;
  - b) une étape de stockage en mémoire des  
solutions à une équation mettant en jeu les  
15 éléments de base, leur masse, leur nombre et  
une des masses données, ceci pour toutes les  
masses ;
  - c) une étape de constitution de séquences  
d'éléments de base à partir desdites  
solutions, chaque séquence incluant une  
solution pour une masse dite minimale et la  
20 séquence complète étant solution pour une  
masse dite maximale ;
  - d) une étape de regroupement des séquences par  
composition ;
  - e) une étape de stockage des arbres possibles  
25 pour une composition d'éléments de base en  
fonction des séquences de cette composition  
déterminées à l'étape c) ;
  - f) pour chaque arbre de l'étape e), une étape de  
calcul de l'ensemble des fragments possibles  
30 de l'arbre ;
  - g) pour chaque fragment de l'étape f), une étape  
de test permettant de savoir si le fragment  
correspond à une des masses données.

35



2844357

19

2. Procédé de détermination d'une structure moléculaire branchée selon la revendication 1, caractérisé en ce que l'étape b) est réalisée de manière incrémentale depuis la plus petite masse vers la plus grande masse, que  
5 la solution pour une masse est cherchée en utilisant les solutions trouvées pour les masses inférieures et que les données correspondant aux dites solutions sont stockées dans un tableau.

3. Procédé de détermination d'une structure  
10 moléculaire branchée selon l'une des revendications précédentes, caractérisé en ce que l'étape c) consiste à définir le N-ème élément de base de la séquence en comparant la solution N pour la masse en cours de traitement avec la solution N-1 à partir de laquelle la solution N a été  
15 trouvée et à écrire dans un fichier un identifiant dudit N-ème élément de base.

4. Procédé de détermination d'une structure moléculaire branchée selon l'une des revendications précédentes, caractérisé en ce que l'étape e) consiste à :  
20 - associer à chaque élément de base d'une séquence une donnée de type « nœud » comportant un identifiant de l'élément de base et au moins une référence à un autre nœud ;  
25 - à la N-ème étape, pour chaque arbre de l'étape N-1, pour chaque nœud comportant une référence libre, créer un nœud contenant le composant N de la séquence et affecter ladite référence libre audit nœud créé ;

30 5. Procédé de détermination d'une structure moléculaire branchée selon l'une des revendications précédentes, caractérisé en ce que l'étape f) consiste à générer une liste de séquences d'éléments de base où chaque séquence inclut ladite solution pour une masse minimale, les  
35 éléments du fragment correspondant à ladite séquence étant

2844357

20

ordonnés par ajout de « nœud » en « nœud » à partir de ladite solution pour une masse minimale.

6. Procédé de détermination d'une structure moléculaire branchée selon l'une des revendications précédentes, caractérisé en ce que l'étape g) est composé de deux étapes :

- Une étape de comparaison de la séquence correspondant audit fragment avec les séquences de ladite composition résultant un premier booléen VRAI ou FAUX ;
- Si ledit premier booléen est FAUX, une étape de comparaison de la composition de ladite séquence avec les compositions des sous-séquences de même longueur incluant la solution minimale desdites séquences solutions pour une masse maximale résultant un deuxième booléen VRAI ou FAUX.

7. Procédé de détermination d'une structure moléculaire branchée selon la revendication 6, caractérisé en ce qu'il comprend une étape supplémentaire de choix de l'arbre (des arbres) le(s) plus pertinent(s) en fonction des résultats de l'étape g) en associant à chacun des arbres générés à l'étape e) un compteur mis à zéro au début du procédé et incrémenté d'un si lesdits deux booléens sont FAUX et en choisissant l'arbre (ou les arbres) dont le(s) compteur(s) est (sont) le(s) plus faible(s).

8. Utilisation du procédé de détermination d'un structure moléculaire branchée selon l'une des revendications précédentes, caractérisée en ce que la structure recherchée est un oligosaccharide, les données de masse sont obtenues par spectrométrie de masse et les éléments de base sont des monosaccharides ou des groupements substituants.

2844357

1/3

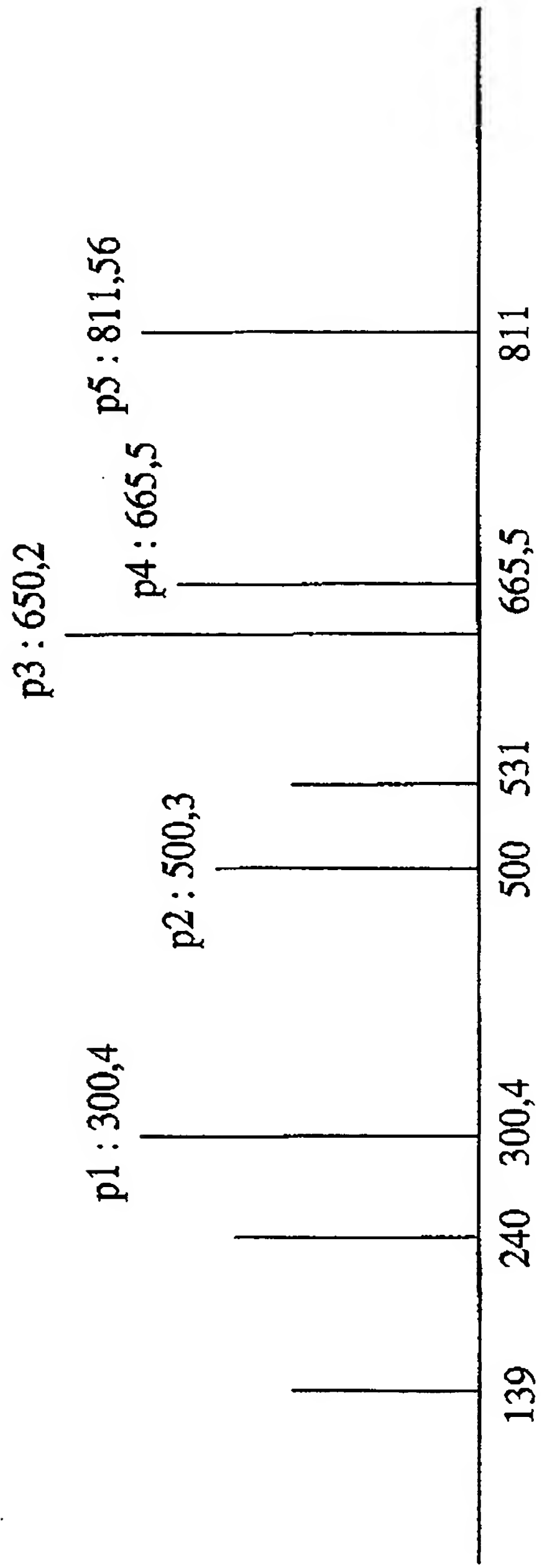


Figure 1

2844357

2/3

1ère étape	2ème étape	3ème étape	4ème étape	Confrontation avec 5587
5	5 5	5 5—7 7	5 5—7 8 5 5—7 8 7 5—8 7	5 5—7 8 5 5—8 8 5 5—7 7 5—8 5

Figure 2

2844357

3/3

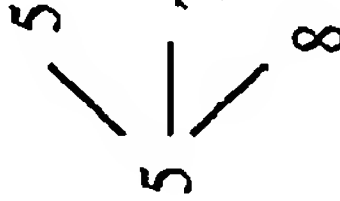
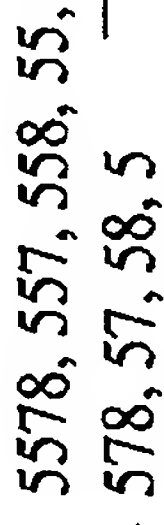
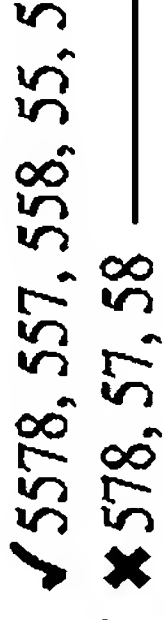
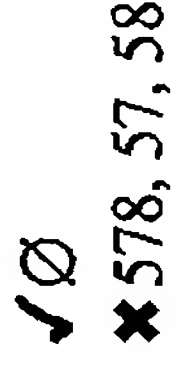
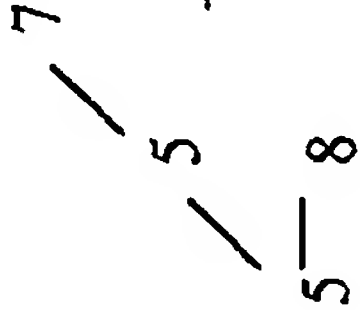
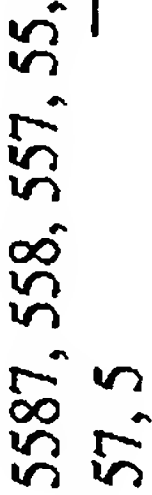
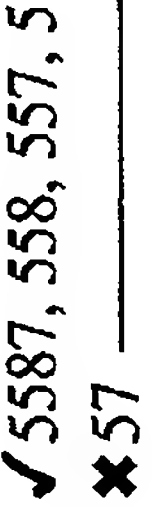
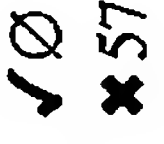
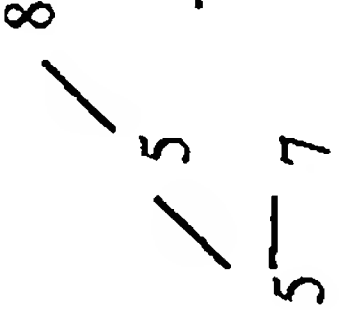

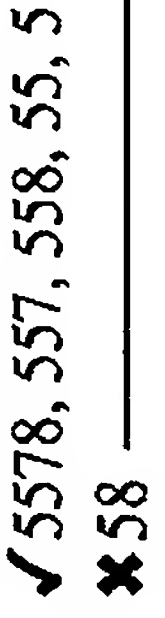

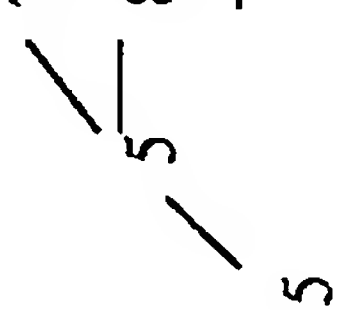
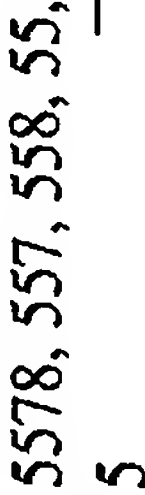
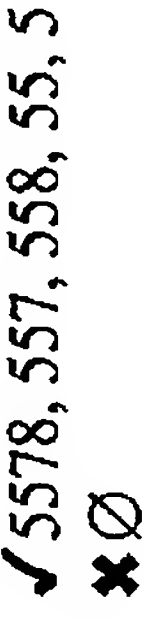
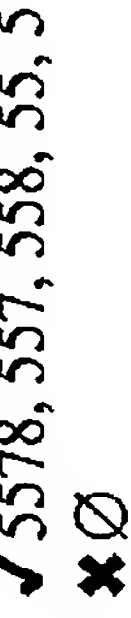
Arbres possibles	Fragments théoriques	Validité des fragments par rapport aux décompositions	Validité des fragments sans ordre	Nombre de raies manquantes
				3
				1
				1
				0

Figure 3

2844357



FA 626871  
FR 0211195

ST AVAILABLE COPY



RÉPUBLIQUE FRANÇAISE

2844357



**RAPPORT DE RECHERCHE  
PRÉLIMINAIRE**  
établi sur la base des dernières revendications  
déposées avant le commencement de la recherche

N° d'enregistrement  
national  
  
FA 626871  
FR 0211195

DOCUMENTS CONSIDÉRÉS COMME PERTINENTS		Revendication(s) concernée(s)	Classement attribué à l'invention par l'INPI
Catégorie	Citation du document avec indication, en cas de besoin, des parties pertinentes		
A	WO 95 25281 A (ENG JAMES K ;LINK ANDREW J (US); UNIV WASHINGTON (US); YATES JOHN) 21 septembre 1995 (1995-09-21) * abrégé * * page 1, alinéa 3 - page 3, alinéa 1 * * page 6, alinéa 4 - page 13, alinéa 1 * * revendications 1,28 * * figures 1-4,6E *	1-8	
A	BUCHANAN B G ET AL: "Dendral and Meta-Dendral: their applications dimension" ARTIFICIAL INTELLIGENCE, NORTH-HOLLAND PUBLISHING COMPANY, vol. 11, 1978, pages 5-24, XP008021166 * page 6, alinéa 3 - page 10, alinéa 2 *	1-8	
			DOMAINES TECHNIQUES RECHERCHÉS (Int.Cl.7)
Date d'achèvement de la recherche		Examineur	
29 août 2003		Swarén, P.	
<div>CATÉGORIE DES DOCUMENTS CITÉS</div> <div><div>X : particulièrement pertinent à lui seul Y : particulièrement pertinent en combinaison avec un autre document de la même catégorie A : arrière-plan technologique O : divulgation non-écrite P : document intercalaire</div><div>T : théorie ou principe à la base de l'invention E : document de brevet bénéficiant d'une date antérieure à la date de dépôt et qui n'a été publié qu'à cette date de dépôt ou qu'à une date postérieure. D : cité dans la demande L : cité pour d'autres raisons &amp; : membre de la même famille, document correspondant</div></div>			

1  
EPO FORM 1503 12.99 (P04C14)

BEST AVAILABLE COPY

2844357

**ANNEXE AU RAPPORT DE RECHERCHE PRÉLIMINAIRE  
RELATIF A LA DEMANDE DE BREVET FRANÇAIS NO. FR 0211195 FA 626871**

La présente annexe indique les membres de la famille de brevets relatifs aux documents brevets cités dans le rapport de recherche préliminaire visé ci-dessus.

Les dits membres sont contenus au fichier informatique de l'Office européen des brevets à la date du 29-08-2003

Les renseignements fournis sont donnés à titre indicatif et n'engagent pas la responsabilité de l'Office européen des brevets, ni de l'Administration française

Document brevet cité au rapport de recherche	Date de publication	Membre(s) de la famille de brevet(s)	Date de publication
WO 0214872 A	21-02-2002	AU 8561801 A	25-02-2002
		WO 0214872 A2	21-02-2002
WO 9525281 A	21-09-1995	US 5538897 A	23-07-1996
		AT 241809 T	15-06-2003
		CA 2185574 A1	21-09-1995
		DE 69530915 D1	03-07-2003
		EP 1239288 A1	11-09-2002
		EP 0750747 A1	02-01-1997
		JP 3195358 B2	06-08-2001
		JP 9510780 T	28-10-1997
		WO 9525281 A1	21-09-1995
		US 6017693 A	25-01-2000

EPO FORM P0485

BEST AVAILABLE COPY